

特許協力条約

PCT

特許性に関する国際予備報告（特許協力条約第二章）

（法第12条、法施行規則第56条）
〔PCT36条及びPCT規則70〕

REC'D 22 DEC 2005

WIPO

PCT

出願人又は代理人 の書類記号 A181-09PCT	今後の手続きについては、様式PCT/IPEA/416を参照すること。	
国際出願番号 PCT/J P 2005/000790	国際出願日 (日.月.年) 21.01.2005	優先日 (日.月.年) 22.01.2004
国際特許分類 (IPC) Int.Cl. C12N15/09, A01H5/00, C12Q1/68		
出願人 (氏名又は名称) 独立行政法人科学技術振興機構		

- この報告書は、PCT35条に基づきこの国際予備審査機関で作成された国際予備審査報告である。
法施行規則第57条（PCT36条）の規定に従い送付する。
- この国際予備審査報告は、この表紙を含めて全部で 4 ページからなる。
- この報告には次の附属物件も添付されている。
 - ☒ 附属書類は全部で 7 ページである。
 - ☒ 補正されて、この報告の基礎とされた及び／又はこの国際予備審査機関が認めた訂正を含む明細書、請求の範囲及び／又は図面の用紙（PCT規則70.16及び実施細則第607号参照）
 - ☐ 第I欄4.及び補充欄に示したように、出願時における国際出願の開示の範囲を超えた補正を含むものとこの国際予備審査機関が認定した差替え用紙
 - ☐ 電子媒体は全部で (電子媒体の種類、数を示す)。
配列表に関する補充欄に示すように、電子形式による配列表又は配列表に関連するテーブルを含む。
(実施細則第802号参照)
- この国際予備審査報告は、次の内容を含む。
 - ☒ 第I欄 国際予備審査報告の基礎
 - ☐ 第II欄 優先権
 - ☐ 第III欄 新規性、進歩性又は産業上の利用可能性についての国際予備審査報告の不作成
 - ☐ 第IV欄 発明の単一性の欠如
 - ☒ 第V欄 PCT35条(2)に規定する新規性、進歩性又は産業上の利用可能性についての見解、それを裏付けるための文献及び説明
 - ☐ 第VI欄 ある種の引用文献
 - ☐ 第VII欄 国際出願の不備
 - ☐ 第VIII欄 国際出願に対する意見

国際予備審査の請求書を受理した日 08.11.2005	国際予備審査報告を作成した日 07.12.2005	
名称及びあて先 日本国特許庁 (IPEA/J P) 郵便番号100-8915 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号	特許庁審査官 (権限のある職員) 高堀 栄二	4 B 9 2 8 1
	電話番号 03-3581-1101 内線 3448	

様式PCT/IPEA/409 (表紙) (2005年4月)

第 I 欄 報告の基礎

1. 言語に関し、この予備審査報告は以下のものを基礎とした。

- ☒ 出願時の言語による国際出願
☐ 出願時の言語から次の目的のための言語である _____ 語に翻訳された、この国際出願の翻訳文
☐ 国際調査 (PCT規則12.3(a)及び23.1(b))
☐ 国際公開 (PCT規則12.4(a))
☐ 国際予備審査 (PCT規則55.2(a)又は55.3(a))

2. この報告は下記の出願書類を基礎とした。(法第6条(PCT14条)の規定に基づく命令に応答するために提出された差替え用紙は、この報告において「出願時」とし、この報告に添付していない。)

☐ 出願時の国際出願書類

☒ 明細書

第 1-7、9-92 _____ ページ、出願時に提出されたもの
 第 8、8/1 _____ ページ*、08. 11. 2005 付けで国際予備審査機関が受理したもの
 第 _____ ページ*、_____ 付けで国際予備審査機関が受理したもの

☒ 請求の範囲

第 1-12, 14-24, 31, 33-43 _____ 項、出願時に提出されたもの
 第 _____ 項*、PCT19条の規定に基づき補正されたもの
 第 13, 25-30, 32, 44-52 _____ 項*、08. 11. 2005 付けで国際予備審査機関が受理したもの
 第 _____ 項*、_____ 付けで国際予備審査機関が受理したもの

☒ 図面

第 1/21-21/21 _____ ページ、出願時に提出されたもの
 第 _____ ページ/図*、_____ 付けで国際予備審査機関が受理したもの
 第 _____ ページ/図*、_____ 付けで国際予備審査機関が受理したもの

☒ 配列表又は関連するテーブル

配列表に関する補充欄を参照すること。

3. ☐ 補正により、下記の書類が削除された。

☐ 明細書 第 _____ ページ
☐ 請求の範囲 第 _____ 項
☐ 図面 第 _____ ページ/図
☐ 配列表 (具体的に記載すること) _____
☐ 配列表に関連するテーブル (具体的に記載すること) _____

4. ☐ この報告は、補充欄に示したように、この報告に添付されかつ以下に示した補正が出願時における開示の範囲を超えてされたものと認められるので、その補正がされなかったものとして作成した。(PCT規則70.2(c))

☐ 明細書 第 _____ ページ
☐ 請求の範囲 第 _____ 項
☐ 図面 第 _____ ページ/図
☐ 配列表 (具体的に記載すること) _____
☐ 配列表に関連するテーブル (具体的に記載すること) _____

* 4. に該当する場合、その用紙に "superseded" と記入されることがある。

第V欄 新規性、進歩性又は産業上の利用可能性についての法第12条(PCT35条(2))に定める見解、それを裏付ける文献及び説明

1. 見解

新規性 (N)	請求の範囲 1-52	有
	請求の範囲	無
進歩性 (IS)	請求の範囲	有
	請求の範囲 1-52	無
産業上の利用可能性 (IA)	請求の範囲 1-52	有
	請求の範囲	無

2. 文献及び説明 (PCT規則 70.7)

文献1: 清水 顕史 他, 農業生物資源研究所主要な研究成果 2003, Vol. 2002, p. 74-75
 文献2: HORI. K, et al. Theor. Appl. Genet. 2003, Vol. 107, No. 5, p. 806-813

請求の範囲1-52に係る発明は、国際調査報告で引用された文献1-2により進歩性を有しない。文献1には、オオムギの赤かび病抵抗性の品種(ロシア6号)と感受性の品種(H. E. S. 4)の組み換え自殖系統が記載されており、該組み換え自殖系統を材料として、赤かび病抵抗性に関するQTL解析を行い、2H、5H染色体上に赤かび病抵抗性に関するQTLが存在することが記載されている。また、文献2には、QTL解析を行う方法が記載されている。よって、文献1-2の記載から、文献1に記載されている赤かび病抵抗性に関するQTLの解析をさらに進め、関係する遺伝子を特定して、該遺伝子を赤かび病抵抗性因子に連鎖する遺伝子マーカーとして使用することは、当業者が容易になし得ることであり、そのことに技術的困難性があつたとは認められない。

配列表に関する補充欄

第 I 欄 2. の続き

1. この国際出願で開示されかつ請求の範囲に係る発明に必要なヌクレオチド又はアミノ酸配列に関して、以下に基づき国際予備報告を作成した。

- a. タイプ ☒ 配列表
☐ 配列表に関連するテーブル
- b. フォーマット ☐ 紙形式
☒ 電子形式
- c. 提出時期 ☐ 出願時の国際出願に含まれていたもの
☒ この国際出願と共に電子形式により提出されたもの
☐ 出願後に、調査又は審査のために、この国際機関に提出されたもの
☐ _____ 付けで、この国際予備審査機関が補正*として受理したもの

2. ☐ さらに、配列表又は配列表に関連するテーブルを提出した場合に、出願後に提出した配列若しくは追加して提出した配列が出願時に提出した配列と同一である旨、又は、出願時の開示を超える事項を含まない旨の陳述書の提出があった。

3. 補足意見：

*第 I 欄 4. に該当する場合、国際予備審査報告書の基礎となる配列表又は配列表に関連するテーブルに "superseded" と記入されることがある。

幅されるものであってもよい。

また本発明にかかる遺伝マーカーは、上記課題を解決するために、上記構成に加え、配列番号 30 に示される塩基配列を有するプライマーと、配列番号 31 に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第十プライマーセットを用いて増幅されるものであってもよい。

また本発明にかかる遺伝マーカーは、上記課題を解決するために、上記ゲノム DNA が 4 H 染色体であることを特徴とするものであってもよい。

また本発明にかかる遺伝マーカーは、上記課題を解決するために、上記構成に加え、イネ科植物のゲノム DNA を制限酵素 M s e I および E c o R I で消化して得られる DNA 断片に、配列番号 16 および 17 に示される塩基配列を有する M s e I アダプター、並びに配列番号 14 および 15 に示される塩基配列を有する E c o R I アダプターをライゲーションし、前記ライゲーション後の DNA 断片を配列番号 19 に示される塩基配列を有する M s e I ユニバーサルプライマーおよび配列番号 18 に示される塩基配列を有する E c o R I ユニバーサルプライマーを用いて予備増幅を行ない、さらに、前記予備増幅によって得られた予備増幅断片を配列番号 32 に示される塩基配列を有するプライマーと、配列番号 33 に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第十一プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とするものであってもよい。

また本発明にかかる遺伝マーカーは、上記課題を解決するために、上記構成に加え、イネ科植物のゲノム DNA を制限酵素 M s e I および E c o R I で消化して得られる DNA 断片に、配列番号 16 および 17 に示される塩基配列を有する M s e I アダプター、並びに配列番号 14 および 15 に示される塩基配列を有する E c o R I アダプターをライゲーションし、前記ライゲーション後の DNA 断片を配列番号 19 に示される塩基配列を有する M s e I ユニバーサルプライマーおよび配列番号 18 に示される塩基配列を有する E c o R I ユニバーサルプライマーを用いて予備増幅を行ない、さらに、前記予備増幅によって得られた予備増幅断片を配列番号 34 に示される塩基配列を有するプライマーと、配列番号 35 に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第十二プライマー

8 / 1

セットを用いて増幅されるものであってもよい。

また本発明にかかる遺伝マーカーは、上記課題を解決するために、上記構成に加

配列番号25に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第七プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項1ないし4のいずれか1項に記載の遺伝マーカー。

12. 配列番号26に示される塩基配列を有するプライマーと、配列番号27に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第八プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項1ないし4のいずれか1項に記載の遺伝マーカー。

13. (補正後) 上記ゲノムDNAが5H染色体であることを特徴とする請求項3に記載の遺伝マーカー。

14. 配列番号5に示される塩基配列を有するプライマーと、配列番号6に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第三プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項1、2、3または13に記載の遺伝マーカー。

15. 上記赤かび病抵抗性因子から約9センチモルガンの距離に位置することを特徴とする請求項14に記載の遺伝マーカー。

16. 配列番号10に示される塩基配列、または配列番号11に示される塩基配列を有する請求項15に記載の遺伝マーカー。

17. 配列番号5に示される塩基配列を有するプライマーと、配列番号7に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第四プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項1、2、3または13に記載の遺伝マーカー。

18. 上記赤かび病抵抗性因子から約9センチモルガンの距離に位置することを特徴とする請求項17に記載の遺伝マーカー。

19. 配列番号12に示される塩基配列、または配列番号13に示される塩基配列を有する請求項18に記載の遺伝マーカー。

20. イネ科植物のゲノムDNAを制限酵素MseIおよびEcoRIで消化して得られるDNA断片に、

配列番号16および17に示される塩基配列を有するMseIアダプター、並びに配列番号14および15に示される塩基配列を有するEcoRIアダプターをライゲーションし、

前記ライゲーション後のDNA断片を配列番号19に示される塩基配列を有するMseIユニバーサルプライマーおよび配列番号18に示される塩基配列を有するEcoRIユニバーサルプライマーを用いて予備増幅を行ない、

さらに、前記予備増幅によって得られた予備増幅断片を配列番号21に示される塩基配列を有するプライマーと、配列番号20に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせで

ある第五プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項1、2、3または13に記載の遺伝マーカー。

21. 上記赤かび病抵抗性因子から約2.2センチモルガンの距離に位置することを特徴とする請求項13または20に記載の遺伝マーカー。

22. 配列番号28に示される塩基配列を有するプライマーと、配列番号29に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第九プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項1、2、3または13に記載の遺伝マーカー。

23. 配列番号30に示される塩基配列を有するプライマーと、配列番号31に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第十プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項1、2、3または13に記載の遺伝マーカー。

24. 上記ゲノムDNAが4H染色体であることを特徴とする請求項3に記載の遺伝マーカー。

25. (補正後) イネ科植物のゲノムDNAを制限酵素MseIおよびEcoRIで消化して得られるDNA断片に、

配列番号16および17に示される塩基配列を有するMseIアダプター、並びに配列番号14および15に示される塩基配列を有するEcoRIアダプターをライゲーションし、

前記ライゲーション後のDNA断片を配列番号19に示される塩基配列を有するMseIユニバーサルプライマーおよび配列番号18に示される塩基配列を有するEcoRIユニバーサルプライマーを用いて予備増幅を行ない、

さらに、前記予備増幅によって得られた予備増幅断片を配列番号32に示される塩基配列を有するプライマーと、配列番号33に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第十一プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項1、2、3または24に記載の遺伝マーカー。

26. (補正後) イネ科植物のゲノムDNAを制限酵素MseIおよびEcoRIで消化して得られるDNA断片に、

配列番号16および17に示される塩基配列を有するMseIアダプター、並びに配列番号14および15に示される塩基配列を有するEcoRIアダプターをライゲーションし、

前記ライゲーション後のDNA断片を配列番号19に示される塩基配列を有するMseIユニバーサルプライマーおよび配列番号18に示される塩基配列を有するEcoRIユニバーサ

ルプライマーを用いて予備増幅を行ない、

さらに、前記予備増幅によって得られた予備増幅断片を配列番号34に示される塩基配列を有するプライマーと、配列番号35に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第十二プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項1、2、3または24に記載の遺伝マーカー。

27.(補正後)イネ科植物のゲノムDNAを制限酵素Mse I およびEcoRIで消化して得られるDNA断片に、

配列番号16および17に示される塩基配列を有するMse I アダプター、並びに配列番号14および15に示される塩基配列を有するEcoRIアダプターをライゲーションし、

前記ライゲーション後のDNA断片を配列番号19に示される塩基配列を有するMse I ユニバーサルプライマーおよび配列番号18に示される塩基配列を有するEcoRI ユニバーサルプライマーを用いて予備増幅を行ない、

さらに、前記予備増幅によって得られた予備増幅断片を配列番号36に示される塩基配列を有するプライマーと、配列番号37に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第十三プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項1、2、3または24に記載の遺伝マーカー。

28.(補正後)配列番号38に示される塩基配列を有するプライマーと、

配列番号39に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第十四プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項1、2、3または24に記載の遺伝マーカー。

29.(補正後)配列番号40に示される塩基配列を有するプライマーと、

配列番号41に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第十五プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項1、2、3または24に記載の遺伝マーカー。

30.(補正後)配列番号42に示される塩基配列を有するプライマーと、

配列番号43に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第十六プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項1、2、3または24に記載の遺伝マーカー。

31. 上記ゲノムDNAが6H染色体であることを特徴とする

請求項 3 に記載の遺伝マーカー。

32. (補正後) イネ科植物のゲノム DNA を制限酵素 M s e I および E c o R I で消化して得られる DNA 断片に、

配列番号 16 および 17 に示される塩基配列を有する M s e I アダプター、並びに配列番号 14 および 15 に示される塩基配列を有する E c o R I アダプターをライゲーションし、

前記ライゲーション後の DNA 断片を配列番号 19 に示される塩基配列を有する M s e I ユニバーサルプライマーおよび配列番号 18 に示される塩基配列を有する E c o R I ユニバーサルプライマーを用いて予備増幅を行ない、

さらに、前記予備増幅によって得られた予備増幅断片を配列番号 44 に示される塩基配列を有するプライマーと、配列番号 45 に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第十七プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項 1、2、3 または 31 に記載の遺伝マーカー。

33. 配列番号 46 に示される塩基配列を有するプライマーと、配列番号 47 に示される塩基配列を有するプライマーとの組み合わせである第十八プライマーセットを用いて増幅されることを特徴とする請求項 1、2、3 または 31 に記載の遺伝マーカー。

34. 請求項 1 ないし 33 のいずれか 1 項に記載の遺伝マーカーを用いて赤かび病抵抗性因子を含む DNA 断片を単離する工程を含むことを特徴とする DNA 断片の単離方法。

35. 請求項 34 に記載の単離方法により得られた上記赤かび病抵抗性因子を含む DNA 断片を、植物のゲノム DNA に導入する工程を含むことを特徴とする赤かび病抵抗性植物の生産方法。

36. 上記植物がイネ科植物であることを特徴とする請求項 35 に記載の赤かび病抵抗性植物の生産方法。

37. 上記イネ科植物がムギ類であることを特徴とする請求項 36 に記載の赤かび病抵抗性植物の生産方法。

38. 上記ムギ類がオオムギであることを特徴とする請求項 37 に記載の赤かび病抵抗性植物の生産方法。

39. 請求項 35 ないし 38 のいずれか 1 項に記載の赤かび病抵抗性植物の生産方法によって得られた赤かび病抵抗性植物。

40. 請求項 1 ないし 33 のいずれか 1 項に記載の遺伝マーカーを検出する工程を含むことを特徴とする赤かび病抵抗性植物の判定方法。

41. 請求項 40 に記載の赤かび病抵抗性植物の判定方法を行

なうために用いられる赤かび病抵抗性植物の判定キット。

42. 請求項1ないし33に記載の遺伝マーカーのうち、少なくとも一つ以上が、固定されていることを特徴とする遺伝子検出器具。

43. 請求項1ないし33に記載の遺伝マーカーを検出するために用いられるプライマー群であって、

配列番号1～7及び配列番号20～47のいずれかに示される塩基配列を有するプライマーのうち、少なくとも2つ以上のプライマーを包含することを特徴とするプライマー群。

44. (追加) 請求項5に記載の遺伝マーカーおよび請求項7に記載の遺伝マーカーの多型を検出する工程を含むことを特徴とする赤かび病抵抗性植物の判定方法。

45. (追加) 請求項11に記載の遺伝マーカーおよび請求項12に記載の遺伝マーカーの多型を検出する工程を含むことを特徴とする赤かび病抵抗性植物の判定方法。

46. (追加) 請求項14または17に記載の遺伝マーカーの多型と、請求項20に記載の遺伝マーカーの多型とを検出する工程を含むことを特徴とする赤かび病抵抗性植物の判定方法。

47. (追加) 請求項22に記載の遺伝マーカーおよび請求項23に記載の遺伝マーカーの多型を検出する工程を含むことを特徴とする赤かび病抵抗性植物の判定方法。

48. (追加) 請求項25に記載の遺伝マーカーおよび請求項26に記載の遺伝マーカーの多型を検出する工程を含むことを特徴とする赤かび病抵抗性植物の判定方法。

49. (追加) 請求項27に記載の遺伝マーカーおよび請求項28に記載の遺伝マーカーの多型を検出する工程を含むことを特徴とする赤かび病抵抗性植物の判定方法。

50. (追加) 請求項29に記載の遺伝マーカーおよび請求項30に記載の遺伝マーカーの多型を検出する工程を含むことを特徴とする赤かび病抵抗性植物の判定方法。

51. (追加) 請求項32に記載の遺伝マーカーおよび請求項33に記載の遺伝マーカーの多型を検出する工程を含むことを特徴とする赤かび病抵抗性植物の判定方法。

52. (追加) 請求項7に記載の遺伝マーカーおよび請求項10に記載の遺伝マーカーの多型を検出する工程を含むことを特徴とする赤かび病抵抗性植物の判定方法。